



TITLE:

巨大DNAウイルスゲノムの解析

AUTHOR(S):

緒方, 博之

CITATION:

緒方, 博之. 巨大DNAウイルスゲノムの解析. 京都大学化学研究所スーパーコンピュータシステム研究成果報告書 2018, 2017: 18-19

ISSUE DATE:

2018-03

URL:

<http://hdl.handle.net/2433/230721>

RIGHT:

巨大 DNA ウイルスゲノムの解析
Genomics of giant DNA viruses

京都大学化学研究所 化学生命科学研究領域

緒方 博之

研究成果概要

本研究では、京都大学化学研究所スーパーコンピュータシステムを利用して、巨大ウイルスおよびウイルスゲノムの解析・関連ツール開発を行うと同時に、微生物生態学関連のバイオインフォマティクス研究を行った。

具体的には、(1)メガウイルス科の定量的多様性解析(三原知子他、李岩沢他、Florian Proding 他)、(2)北極圏における巨大ウイルスの生物地理(遠藤寿他)、(3)東京理科大との共同による巨大ウイルス・メデューサウイルスのゲノム解析(吉川元輝他)、(4)生物炭素ポンプを駆動する真核ウイルスの同定(ロマン・ブラン＝マチュー、金子博人他)、(5)農学研究科との共同研究による、大阪湾および Tara Oceans メタゲノムデータを利用したウイルスゲノムの決定(西村陽介他)と、海洋ウイルスの局所的生産、日周変動の解析(吉田天士他)、(6)広島大学との共同の *Ralstonia* ファージ XacN1 のゲノムの解析(吉川元貴他)、(7)ウイルスーホストデータベースの開発(山本留美子他)、(8)ウイルスゲノムの分類法の開発(西村陽介他、黒西愛他)。ウイルス関連以外の研究では、(9)近畿大学との共同により、リパクレオン及びガンキリンが腸内細菌叢に及ぼす影響の評価(西山拓輝他)、(10)腸内細菌叢のネットワーク解析(加藤恭崇他)、(11)KO の予測ツールの開発(荒巻拓哉他)、(12)メタゲノム解析ツールの開発(高見英人、五斗進他)、(13)珪藻、パルマ叢のゲノム解析(ロマン・ブラン＝マチュー他)、(14)青山研との共同による PIP5K の分子進化解析(ロマン・ブラン＝マチュー他)、(15)ポリケチド合成酵素機能予測法の開発(清水祐吾他)、(16)MGENES と OC データベースの整備を行った(五斗進他)。

発表論文(謝辞あり)

Yoshida T., Nishimura Y., Watai H., Haruki N., Morimoto D., Kaneko H., Honda T., Yamamoto K., Hingamp P., Sako Y., Goto S., Ogata H. Locality and diel cycling of viral production revealed by a 24 h time course cross-omics analysis in a coastal region of Japan. ISME J., doi:10.1038/s41396-018-0052-x (2018).

Nishiyama H., Nagai T., Kudo M., Okazaki Y., Azuma Y., Watanabe T., Susumu G., Ogata H., Sakurai T. Supplementation of pancreatic digestive enzymes alters the composition of intestinal microbiota in mice. Biochem. Biophys. Res. Commun., pii: S0006-291X(17)32108-3., (2017).

Matsui T., Yoshikawa G., Mihara T., Chatchawankanphanich O., Kawasaki T., Nakano M., Fujie M., Ogata H., Yamada T. Replications of two closely related groups of jumbo phages

show different level of dependence on host-encoded RNA polymerase. *Front. Microbiol.*, 8, 1010, doi:10.3389/fmicb.2017.01010 (2017).

Nishimura Y., Yoshida T., Kuronishi M., Uehara H., Ogata H., Goto S. ViPTree: the viral proteomic tree server. *Bioinformatics*, 33, 2379-2380, doi:10.1093/bioinformatics/btx157 (2017).

Shimizu Y., Ogata H., Goto S. Discriminating the reaction types of plant type III polyketide synthases. *Bioinformatics*, 33, 1937-1943, doi:10.1093/bioinformatics/btx112 (2017).

Nishimura Y., Watai H., Honda T., Mihara T., Omae K., Roux S., Blanc-Mathieu R., Yamamoto K., Hingamp P., Sako Y., Sullivan M.B., Goto S., Ogata H., Yoshida T. Environmental viral genomes shed new light on virus-host interactions in the ocean. *mSphere*, 2, e00359-16 (2017).

発表論文(謝辞なし)

Carradec Q., Pelletier E., Da Silva C., Alberti A., Seeleuthner Y., Blanc-Mathieu R., Lima-Mendez G., Rocha F., Tirichine L., Labadie K., Kirilovsky A., Bertrand A., Engelen S., Madoui M.-A., Meheust R., Poulain J., Romac S., Richter D., Yoshikawa G., Dimier C., Kandels-Lewis S., Picheral M., Searson S., Tara Oceans Coordinators, Jaillon O., Aury J.-M., Karsenti E., Sullivan M.B., Sunagawa S., Bork P., Not F., Hingamp P., Raes J., Guidi L., Ogata H., de Vargas C., Iudicone D., Bowler C., Wincker P. A global ocean atlas of eukaryotic genes. *Nat. Commun.*, 9, 373, doi:10.1038/s41467-017-02342-1 (2018).